

PIR Pairwise Alignment

Appendix A

Query sequence 1

>Seq1

MKPRSGLEEAQRRQASDIRVFASSCTMHGLGHI FGPGGLTLRRGLWATAVLLSLAAFLYQ
 VAERVRYYGFEHFKTTLDERESHQLTFPAVTL CNINPLRRSRLTPNDLHWAGTALLGLDP
 AEHAAYLRALGQPPAPPGFMPSPTFDMAQLYARAGHSLEDMLLDCRYRGQPCGPENFTVI
 FTRMGQCYTFNSGAHGAELLTPKGGAGNGLEIMLDVQEEYLPWKDMEETPFEVGIRV
 QIHSQDEPPAIDQLGFGAAPGHQTFVSCQQQQLSFLPPPWGDCNTASLDPDDFDPEPSDP
 LGSPRPRPSPPYSLIGCRLACESRYVARKCGCRMMHMPGNSPVCSPQQYKDCASPALDAM
 LRKDTVCPCNPCCATTRYAKELSMVRI PSRASARYLARKYNRSESYITENVLVLDIFFEAL
 NYEAVEQKAAYEVSELLGDIGGQMGLFIGASLLTILEILDYLCVFRDVLGYFWNRRA
 QKRSGNTLLQEELNGHRTHVPHLSLGRPPPTTPCAVTKTLSASHRTCYLVTSL

Query sequence 2

>Seq2

mkptsgpeearrqpsdirvfascsmhglghvfgpgslslrrgmwaaavvlsvatflyqv
 aervryyrefhhtaldereshrlvfpavtlcninplrrsrltpndlhwagsallgldpa
 ehaaflralgrppappgfmppstfdmaqlaraghslddmlldcrfrgqpcgpenfttif
 trmgkcytfnsqadgaelltttrggmgngldimldvqqeeylpvwrneetpfevgirvq
 ihsqeeppiidqlglgvsqyqtfvscqqqlsflpppwgdcssaslnpyeepsdplg
 spspspspytlmgrlacetryvarkcgcrmvmpgdvpvcspqqykncahpaidailr
 kdscacpnpcasttryakelsmvripsraaarflarklnrseayiaenvlaldiffealny
 etveqkkayemsellgdiggqmglfigaslltileildylcevfrdkvlgyfwnrqhsqr
 hsstnllqeglshrtqvphlslgprpptppcavtktlsashrtcylvtql

Full length alignments between two sequences

>>Seq2 (531 aa)
 s-w opt: 3201 Z-score: 3924.6 bits: 735.9 E(): 8.5e-217
 Smith-Waterman score: 3201; 83.490% identity (83.804% ungapped) in 533 aa overlap (1-533:1-531)

	10	20	30	40	50	60
Seq1	MKPRSGLEEAQRRQASDIRVFASSCTMHGLGHI	FGPGGLTLRRGLWATAVLLSLAAFLYQ				
Seq2	MKPTSGPEEA-RRQPSDIRVFASNC	SMHGLGHVFGPGSLSLRRGMWAAAVVLSVATFLYQ				
	10	20	30	40	50	
	70	80	90	100	110	120
Seq1	VAERVRYYGFEHFKTTLDERESHQLTFPAVTL	CNINPLRRSRLTPNDLHWAGTALLGLDP				
Seq2	VAERVRYYREFHHTALDERESHRLVFPAVTL	CNINPLRRSRLTPNDLHWAGSALLGLDP				
	60	70	80	90	100	110
	130	140	150	160	170	180
Seq1	AEHAAYLRALGQPPAPPGFMPSPTFDMAQLYARAGHSLEDMLLDCRYRGQPCGPENFTVI					
Seq2	AEHAFLRALGRPPAPPGFMPSPTFDMAQLYARAGHSLEDMLLDCRFRGQPCGPENFTTI					
	120	130	140	150	160	170
	190	200	210	220	230	240
Seq1	FTRMGQCYTFNSGAHGAELLTPKGGAGNGLEIMLDVQEEYLPWKDMEETPFEVGIRV					
Seq2	FTRMGKCYTFNSGADGAELLTTTRGGMGNGLDIMLDVQEEYLPVWRDNEETPFEVGIRV					
	180	190	200	210	220	230
	250	260	270	280	290	300
Seq1	QIHSQDEPPAIDQLGFGAAPGHQTFVSCQQQQLSFLPPPWGDCNTASLDPDDFDPEPSDP					

```

.....
Seq2  QIHSQEEPPIIDQLGLGVSPGYQTFVSCQQQLSFLPPWGDCCSASLNPN-YEPEPSDP
      240      250      260      270      280      290

      310      320      330      340      350      360
Seq1  LGSPRPRPSPPYSLIGCRLACESRYVARKCGCRMHMPGNSPVCSPQQYKDCASPALDAM
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Seq2  LGSPSPSPSPPYTLMGCRLACETRYVARKCGCRMVYMPGDVPVCSPQQYKNCAHPAIDAI
      300      310      320      330      340      350

      370      380      390      400      410      420
Seq1  LRKDTVCPCNPFCATTRYAKELSMVRIPSRASARYLARKYNRSESYITENVLVLDIFFEAL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Seq2  LRKDSCACPNPCASTRYAKELSMVRIPSRAAARFLARKLNRSEAYIAENVLALDIFFEAL
      360      370      380      390      400      410

      430      440      450      460      470      480
Seq1  NYEAVEQKAAYEVSELLGDIGGQMGLFIGASLLTILEILDYLCEVFQDRVLGYFWNRRSA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Seq2  NYETVEQKKAYEMSELLGDIGGQMGLFIGASLLTILEILDYLCEVFRDKVLGYFWNRQHS
      420      430      440      450      460      470

      490      500      510      520      530
Seq1  QKRSGNTLLQEELNGHRTHVPHLSLGPRPPTTPCAVTKTLSASHRTCYLVTQL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Seq2  QRHSSTNLLQEGLSHRTQVPHLSLGPRPPTTPCAVTKTLSASHRTCYLVTQL
      480      490      500      510      520      530

```

Function used was SSEARCH [version 3.4t24 July 21, 2004]

[Back to the top](#)

[Back to PIR Pairwise Alignment](#)